

1681	Db		AACTACCCACCAAGACACATGCTGACGGGAAGAAGTAAAAAAGAGAAGGAGATAC	1740
1758	Qy		TGGAAGATATGACAAAAATGAAGGACCTAGTTAAAGATTAACTAGCCCTTTAAGATT	1817
1741	Db		TGGAAGATATGACAAAAATGAAGGACCTAGTTAAGGATTAACCTAGCCCTTTAAGATT	1800
1818	Qy		ACTAGTTAAGGATTAATAGCAAAAGATATAAATATGCTAAACATAGCTATGGAGGAATG	1877
1801	Db		ACTAGTTAAGGATTAATAGCAAAAGATTAATATGCTTAACATAGCTATGGAGGAATG	1860
1878	Qy		AGGCGAAGCACCAGACTGTAGAGTCTTAAACAAAAACCGTGTGCCAAAAA	1937
1861	Db		AGGCGAAGCACCAGACTGTAGAGTCTTAAACAAAAACCGTGTGCC--AAAAA	1917
1938	Qy		AAAAA	1917
1918	Db		AAAAA	1917
1998	Qy		AAAAATTCCTTAGGGACTGATATGTGTAATATNGTCAATTTAAATAATTTTGGGCAT	2057
1978	Db		AAAAATTCCTTAGGGACTGATATGTGTAATATNGTCAATTTAAATAATTTTGGGCAT	2037
2058	Qy		TTCCCTACATTCCTTTGACAAGATTAAATATGCTGTGCCAAAAATTTGTATTTATTTGG	2117
2038	Db		TTCCCTACATTCCTTTGACAAGATTAAATATGCTGTGCCAAAAATTTGTATTTATTTGG	2097
2118	Qy		AGACTTCCTTATCAAAAGTAATGCTGCGCAAGGAAGTCTAAGGAATGAGTGTGCCAT	2177
2098	Db		AGACTTCCTTATCAAAAGTAATGCTGCGCAAGGAAGTCTAAGGAATGAGTGTGCCAT	2157
2178	Qy		CACCTGTTTGGAGTGTGCTATTTCTAAAGATTTTGCATTTCCCTGGATGACATTTATTT	2237
2158	Db		CACCTGTTTGGAGTGTGCTATTTCTAAAGATTTTGCATTTCCCTGGATGACATTTATTT	2217
2238	Qy		TAACTTTGGTGGGGAAAGAGTTATAGGACACAGCTCTTCACTCTGTGATCTGTAAATTT	2297
2218	Db		TAACTTTGGTGGGGAAAGAGTTATAGGACACAGCTCTTCACTCTGTGATCTGTAAATTT	2277
2298	Qy		AATCTTTTATGTCACCTGTTTGGTGAACAATTAAGCTATATGTTAGAAATGGTCATTTACG	2357
2278	Db		AATCTTTTATGTCACCTGTTTGGTGAACAATTAAGCTATATGTTAGAAATGGTCATTTACG	2337
2358	Qy		GAATAATAGAAAAATTCGTATAATAGTGCAGATAAATGATTAATGCTTTTACTTAATTT	2417
2338	Db		GAATAATAGAAAAATTCGTATAATAGTGCAGATAAATGATTAATGCTTTTACTTAATTT	2397
2418	Qy		TATATGAACTGCTCAATGACAAATAAAATTCCTTTTGAATTTATTTTGTCTTCAATTTAC	2477
2398	Db		TATATGAACTGCTCAATGACAAATAAAATTCCTTTTGAATTTATTTTGTCTTCAATTTAC	2457
2478	Qy		CAGATAAAAC-THAAGATTHAAAGTTTGATTAAGTCAAGTCAAAAAA	2526
2458	Db		CAGATAAAACGTHAAGATTHAAAGTTTGATTAAGTCAAGTCAAAAAA	2507

2038	Db	TTCTCTTACATGCTCTTGACAAGATTAAATATGCTGTGCGAAATTTTGTATTATTG	2097
2118	QY	AGACTTCCTTATCAAAAGTAATGCTGCGAAAGGAAGTCTAAGGAAATTAGTAGTGTTCCCAT	2177
2098	Db	AGACTTCCTTATCAAAAGTAATGCTGCGAAAGGAAGTCTAAGGAAATTAGTAGTGTTCCCAT	2157
2178	QY	CACCTGTTTGGAGTGTCTATTCTAAAGATTTTGATTTCTTCGGAATGACAAATTATATT	2237
2158	Db	CACCTGTTTGGAGTGTCTATTCTAAAGATTTTGATTTCTTCGGAATGACAAATTATATT	2217
2238	QY	TAACTTTTGTGGGGGAAAGAGTTATAGGACCACAGCTCTTCATCTGTGATCTGTGAAATT	2297
2218	Db	TAACTTTTGTGGGGGAAAGAGTTATAGGACCACAGCTCTTCATCTGTGATCTGTGAAATT	2277
2298	QY	AATCTTTTATTGCATCTGTTTTGACCATTAAGCTATATGTTTAGAAATGGTCATTTTACG	2357
2278	Db	AATCTTTTATTGCATCTGTTTTGACCATTAAGCTATATGTTTAGAAATGGTCATTTTACG	2337
2358	QY	GAATAATTAGAAAAATTCGTATAATAGTGCAGATAAATGAATTAATGTTTTACTTAATT	2417
2338	Db	GAATAATTAGAAAAATTCGTATAATAGTGCAGATAAATGAATTAATGTTTTACTTAATT	2397
2418	QY	TATATTGAATCTGAATGACAAATAAAAAATCTTTTTGATTAATTTTTTGTGTTTCAATTAC	2477
2398	Db	TATATTGAATCTGAATGACAAATAAAAAATCTTTTTGATTAATTTTTTGTGTTTCAATTAC	2457
2478	QY	CAGAATAAAAAC-TAAGAAATTAAGTTTGATTACAGTCAAAAAA	2526
2458	Db	CAGAATAAAAAAGTAAAGAAATTAAGTTTGATTACAAAAA	2507

RESULT 4
US-09-636-215-332

	Query Match	97.5%;	Score 2473.6;	DB 4;	Length 2507;	
	Best Local Similarity	99.6%;	Pred. No. 0;			
	Matches 2500;	Conservative	1;	Mismatches	5; Indels 4; Gaps 2;	
QY	18	TCGTC	CCGCTG	CAGCGG	CAGAGATGGTTGAGCTCATGTTCCCGCTGTTGTCCTCCCTTC	77
db	1	TCGTC	CCGCTG	CAGCGG	CAGAGATGGTTGAGCTCATGTTCCCGCTGTTGTCCTCCCTTC	60